Alignment

```
   Query Match              100.0%;  Score 3010;  DB 10;  Length 3309400;
   Best Local Similarity    100.0%;  Pred. No. 0;
   Matches 3010;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy          1 ATTGCGGGGCTTACTGCGCTGATGGGTTCTGCGTTTTATTACCTCTTCGTTGTTTATTTA 60
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2791990 ATTGCGGGGCTTACTGCGCTGATGGGTTCTGCGTTTTATTACCTCTTCGTTGTTTATTTA 2792049

Qy         61 GGCCCCGTCTCTGCCGCTGCGATTGCTGCAACAGCAGTTGGTTTCACTGGTGGTTTGCTT 120
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2792050 GGCCCCGTCTCTGCCGCTGCGATTGCTGCAACAGCAGTTGGTTTCACTGGTGGTTTGCTT 2792109

Qy        121 GCCCGTCGATTCTTGATTCCACCGTTGATTGTGGCGATTGCCGGCATCACACCAATGCTT 180
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2792110 GCCCGTCGATTCTTGATTCCACCGTTGATTGTGGCGATTGCCGGCATCACACCAATGCTT 2792169

Qy        181 CCAGGTCTAGCAATTTACCGCGGAATGTACGCCACCCTGAATGATCAAACACTCATGGGT 240
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2792170 CCAGGTCTAGCAATTTACCGCGGAATGTACGCCACCCTGAATGATCAAACACTCATGGGT 2792229

Qy        241 TTCACCAACATTGCGGTTGCTTTAGCCACTGCTTCATCACTTGCCGCTGGCGTGGTTTTG 300
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2792230 TTCACCAACATTGCGGTTGCTTTAGCCACTGCTTCATCACTTGCCGCTGGCGTGGTTTTG 2792289

Qy        301 GGTGAGTGGATTGCCCGCAGGCTACGTCGTCCACCACGCTTCAACCCATACCGTGCATTT 360
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2792290 GGTGAGTGGATTGCCCGCAGGCTACGTCGTCCACCACGCTTCAACCCATACCGTGCATTT 2792349

Qy        361 ACCAAGGCGAATGAGTTCTCCTTCCAGGAGGAAGCTGAGCAGAATCAGCGCCGGCAGAGA 420
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2792350 ACCAAGGCGAATGAGTTCTCCTTCCAGGAGGAAGCTGAGCAGAATCAGCGCCGGCAGAGA 2792409

Qy        421 AAACGTCCAAAGACTAATCAGAGATTCGGTAATAAAAGGTAAAAATCAACCTGCTTAGGC 480
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2792410 AAACGTCCAAAGACTAATCAGAGATTCGGTAATAAAAGGTAAAAATCAACCTGCTTAGGC 2792469

Qy        481 GTCTTTCGCTTAAATAGCGTAGAATATCGGGTCGATCGCTTTTAAACACTCAGGAGGATC 540
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2792470 GTCTTTCGCTTAAATAGCGTAGAATATCGGGTCGATCGCTTTTAAACACTCAGGAGGATC 2792529

Qy        541 CTTGCCGGCCAAAATCACGGACACTCGTCCCACCCCAGAATCCCTTCACGCTGTTGAAGA 600
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2792530 CTTGCCGGCCAAAATCACGGACACTCGTCCCACCCCAGAATCCCTTCACGCTGTTGAAGA 2792589

Qy        601 GGAAACCGCAGCCGGTGCCCGCAGGATTGTTGCCACCTATTCTAAGGACTTCTTCGACGG 660
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2792590 GGAAACCGCAGCCGGTGCCCGCAGGATTGTTGCCACCTATTCTAAGGACTTCTTCGACGG 2792649
```

```
Qy          661 CGTCACTTTGATGTGCATGCTCGGCGTTGAACCTCAGGGCCTGCGTTACACCAAGGTCGC 720
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2792650 CGTCACTTTGATGTGCATGCTCGGCGTTGAACCTCAGGGCCTGCGTTACACCAAGGTCGC 2792709

Qy          721 TTCTGAACACGAGGAAGCTCAGCCAAAGAAGGCTACAAAGCGGACTCGTAAGGCACCAGC 780
                ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db      2792710 TTCTGAACACGAGGAAGCTCAGCCAAAGAAGGCTACAAAGCGGACTCGTAAGGCACCAGC 2792769

Qy          781 TAAGAAGGCTGCTGCTAAGAAAACGACCAAGAAGACCACTAAGAAAACTACTAAAAAGAC 840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2792770 TAAGAAGGCTGCTGCTAAGAAAACGACCAAGAAGACCACTAAGAAAACTACTAAAAAGAC 2792829

Qy          841 CACCGCAAAGAAGACCACAAAGAAGTCTTAAGCCGGATCTTATATGGATGATTCCAATAG 900
                |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db      2792830 CACCGCAAAGAAGACCACAAAGAAGTCTTAAGCCGGATCTTATATGGATGATTCCAATAG 2792889

Qy          901 CTTTGTAGTTGTTGCTAACCGTCTGCCAGTGGATATGACTGTCCACCCAGATGGTAGCTA 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2792890 CTTTGTAGTTGTTGCTAACCGTCTGCCAGTGGATATGACTGTCCACCCAGATGGTAGCTA 2792949

Qy          961 TAGCATCTCCCCCAGCCCCGGTGGCCTTGTCACGGGGCTTTCCCCCGTTCTGGAACAACA 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2792950 TAGCATCTCCCCCAGCCCCGGTGGCCTTGTCACGGGGCTTTCCCCCGTTCTGGAACAACA 2793009

Qy         1021 TCGTGGATGTTGGGTCGGATGGCCTGGAACTGTAGATGTTGCACCCGAACCATTTCGAAC 1080
                ||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db      2793010 TCGTGGATGTTGGGTCGGATGGCCTGGAACTGTAGATGTTGCACCCGAACCATTTCGAAC 2793069

Qy         1081 AGATACGGGTGTTTTGCTGCACCCTGTTGTCCTCACTGCAAGTGACTATGAAGGCTTCTA 1140
                |||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2793070 AGATACGGGTGTTTTGCTGCACCCTGTTGTCCTCACTGCAAGTGACTATGAAGGCTTCTA 2793129

Qy         1141 CGAGGGCTTTTCAAACGCAACGCTGTGGCCTCTTTTCCACGATCTGATTGTTACTCCGGT 1200
                || |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||||||||
Db      2793130 CGAGGGCTTTTCAAACGCAACGCTGTGGCCTCTTTTCCACGATCTGATTGTTACTCCGGT 2793189

Qy         1201 GTACAACACCGATTGGTGGCATGCGTTTCGGGAGGTAAACCTCAAGTTCGCTGAAGCCGT 1260
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Db      2793190 GTACAACACCGATTGGTGGCATGCGTTTCGGGAGGTAAACCTCAAGTTCGCTGAAGCCGT 2793249

Qy         1261 GAGCCAAGTGGCGGCACACGGTGCCACTGTGTGGGTGCAGGACTATCAGCTGTTGCTGGT 1320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2793250 GAGCCAAGTGGCGGCACACGGTGCCACTGTGTGGGTGCAGGACTATCAGCTGTTGCTGGT 2793309

Qy         1321 TCCTGGCATTTTGCGCCAGATGCGCCCTGATTTGAAGATCGGTTTCTTCCTCCACATTCC 1380
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db      2793310 TCCTGGCATTTTGCGCCAGATGCGCCCTGATTTGAAGATCGGTTTCTTCCTCCACATTCC 2793369

Qy         1381 CTTCCCTTCCCCTGATCTGTTCCGTCAGCTGCCGTGGCGTGAAGAGATTGTTCGAGGCAT 1440
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Db      2793370 CTTCCCTTCCCCTGATCTGTTCCGTCAGCTGCCGTGGCGTGAAGAGATTGTTCGAGGCAT 2793429

Qy         1441 GCTGGGCGCAGATTTGGTGGGATTCCATTTGGTTCAAAACGCAGAAAACTTCCTTGCGTT 1500
                ||||||| ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||| |||||||||
Db      2793430 GCTGGGCGCAGATTTGGTGGGATTCCATTTGGTTCAAAACGCAGAAAACTTCCTTGCGTT 2793489

Qy         1501 AACCCAGCAGGTTGCCGGCACTGCCGGGTCTCATGTGGGTCAGCCGGACACCTTGCAGGT 1560
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||||
Db      2793490 AACCCAGCAGGTTGCCGGCACTGCCGGGTCTCATGTGGGTCAGCCGGACACCTTGCAGGT 2793549

Qy         1561 CAGTGGTGAAGCATTGGTGCGTGAGATTGGCGCTCATGTTGAAACCGCTGACGGAAGGCG 1620
                |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db      2793550 CAGTGGTGAAGCATTGGTGCGTGAGATTGGCGCTCATGTTGAAACCGCTGACGGAAGGCG 2793609

Qy         1621 AGTTAGCGTCGGGGCGTTCCCGATCTCGATTGATGTTGAAATGTTTGGGGAGGCGTCGAA 1680
                ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Db      2793610 AGTTAGCGTCGGGGCGTTCCCGATCTCGATTGATGTTGAAATGTTTGGGGAGGCGTCGAA 2793669

Qy         1681 AAGCGCCGTTCTTGATCTTTTAAAAACGCTCGACGAGCCGGAAACCGTATTCCTGGGCGT 1740
                |||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Db      2793670 AAGCGCCGTTCTTGATCTTTTAAAAACGCTCGACGAGCCGGAAACCGTATTCCTGGGCGT 2793729

Qy         1741 TGACCGACTGGACTACACCAAGGGCATTTTGCAGCGCCTGCTTGCGTTTGAGGAACTGCT 1800
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2793730 TGACCGACTGGACTACACCAAGGGCATTTTGCAGCGCCTGCTTGCGTTTGAGGAACTGCT 2793789

Qy         1801 GGAATCCGGCGCGTTGGAGGCCGACAAAGCTGTGTTGCTGCAGGTCGCGACGCCTTCGCG 1860
                ||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2793790 GGAATCCGGCGCGTTGGAGGCCGACAAAGCTGTGTTGCTGCAGGTCGCGACGCCTTCGCG 2793849
```

```
Qy       1861  TGAGCGCATTGATCACTATCGTGTGTCGCGTTCGCAGGTCGAGGAAGCCGTCGGCCGTAT 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2793850  TGAGCGCATTGATCACTATCGTGTGTCGCGTTCGCAGGTCGAGGAAGCCGTCGGCCGTAT 2793909

Qy       1921  CAATGGTCGTTTCGGTCGCATGGGGCGTCCCGTGGTGCATTATCTACACAGGTCATTGAG 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2793910  CAATGGTCGTTTCGGTCGCATGGGGCGTCCCGTGGTGCATTATCTACACAGGTCATTGAG 2793969

Qy       1981  CAAAAATGATCTCCAGGTGCTGTATACCGCAGCCGATGTCATGCTGGTTACGCCTTTTAA 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2793970  CAAAAATGATCTCCAGGTGCTGTATACCGCAGCCGATGTCATGCTGGTTACGCCTTTTAA 2794029

Qy       2041  AGACGGTATGAACTTGGTGGCTAAAGAATTCGTGGCCAACCACCGCGACGGCACTGGTGC 2100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794030  AGACGGTATGAACTTGGTGGCTAAAGAATTCGTGGCCAACCACCGCGACGGCACTGGTGC 2794089

Qy       2101  TTTGGTGCTGTCCGAATTTGCCGGCGCGGCCACTGAGCTGACCGGTGCGTATTTATGCAA 2160
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||.||||||||||||
Db    2794090  TTTGGTGCTGTCCGAATTTGCCGGCGCGGCCACTGAGCTGACCGGTGCGTATTTATGCAA 2794149

Qy       2161  CCCATTTGATGTGGAATCCATCAAACGGCAAATGGTGGCAGCTGTCCATGATTTGAAGCA 2220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794150  CCCATTTGATGTGGAATCCATCAAACGGCAAATGGTGGCAGCTGTCCATGATTTGAAGCA 2794209

Qy       2221  CAATCCGGAATCTGCGGCAACGCGAATGAAAACGAACAGCGAGCAGGTCTATACCCACGA 2280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794210  CAATCCGGAATCTGCGGCAACGCGAATGAAAACGAACAGCGAGCAGGTCTATACCCACGA 2794269

Qy       2281  CGTCAACGTGTGGGCTAATAGTTTCCTGGATTGTTTGGCACAGTCGGGAGAAAACTCATG 2340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794270  CGTCAACGTGTGGGCTAATAGTTTCCTGGATTGTTTGGCACAGTCGGGAGAAAACTCATG 2794329

Qy       2341  AACCGCGCACGAATCGCGACCATAGGCGTTCTTCCGCTTGCTTTACTGCTGGCGTCCTGT 2400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794330  AACCGCGCACGAATCGCGACCATAGGCGTTCTTCCGCTTGCTTTACTGCTGGCGTCCTGT 2794389

Qy       2401  GGTTCAGACACCGTGGAAATGACAGATTCCACCTGGTTGGTGACCAATATTTACACCGAT 2460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794390  GGTTCAGACACCGTGGAAATGACAGATTCCACCTGGTTGGTGACCAATATTTACACCGAT 2794449

Qy       2461  CCAGATGAGTCGAATTCGATCAGTAATCTTGTCATTTCCCAGCCCAGCTTAGATTTTGGC 2520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794450  CCAGATGAGTCGAATTCGATCAGTAATCTTGTCATTTCCCAGCCCAGCTTAGATTTTGGC 2794509

Qy       2521  AATTCTTCCCTGTCTGGTTTCACTGGCTGTGTGCCTTTTACGGGGCGTGCGGAATTCTTC 2580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794510  AATTCTTCCCTGTCTGGTTTCACTGGCTGTGTGCCTTTTACGGGGCGTGCGGAATTCTTC 2794569

Qy       2581  CAAAATGGTGAGCAAAGCTCTGTTCTGGATGCCGATTATGTGACCTTGTCTTCCCTGGAT 2640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794570  CAAAATGGTGAGCAAAGCTCTGTTCTGGATGCCGATTATGTGACCTTGTCTTCCCTGGAT 2794629

Qy       2641  TTCGATAAACTTCCCGATGATTGCCAAGGACAAGAACTCAAAGTTCATAACGAGCTGGTT 2700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794630  TTCGATAAACTTCCCGATGATTGCCAAGGACAAGAACTCAAAGTTCATAACGAGCTGGTT 2794689

Qy       2701  GATCTTCTGCCTGGTTCTTTTGAAATCTCCAGGACTTCTGGTTCAGAAATCTTGCTGACT 2760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794690  GATCTTCTGCCTGGTTCTTTTGAAATCTCCAGGACTTCTGGTTCAGAAATCTTGCTGACT 2794749

Qy       2761  AGCGATGTCGATGAACTCGATCGGCCAGCAATCCGCTTGGTGTCCTGGATCGCGCCGACA 2820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794750  AGCGATGTCGATGAACTCGATCGGCCAGCAATCCGCTTGGTGTCCTGGATCGCGCCGACA 2794809

Qy       2821  TCTTAAGGTGCCAGGGCTTTAAAGTGCCAGGGGTTCTGTGGGATCCGTACACTGGTTCCC 2880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794810  TCTTAAGGTGCCAGGGCTTTAAAGTGCCAGGGGTTCTGTGGGATCCGTACACTGGTTCCC 2794869

Qy       2881  ATGACTTTGACTATTGAGGAAATCGCCAAGACCAAAAAGCTTTTGGTTGTGTCCGATTTT 2940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2794870  ATGACTTTGACTATTGAGGAAATCGCCAAGACCAAAAAGCTTTTGGTTGTGTCCGATTTT 2794929

Qy       2941  GATGGAACCATCGCAGGATTTAGCAAGGACGCTTACAACGTTCCTATCAACCAGAAATCC 3000
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||.||||
Db    2794930  GATGGAACCATCGCAGGATTTAGCAAGGACGCTTACAACGTTCCTATCAACCAGAAATCC 2794989

Qy       3001  CTCAAGGCGG 3010
               ||||||||||
Db    2794990  CTCAAGGCGG 2794999
```

Alignment

US-09-895-382-29
; Sequence 29, Application US/09895382
; Patent No. US20020137150A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OHTAKI, HIROMI
; APPLICANT: NAKAMURA, JUN
; APPLICANT: IZUI, HIROSHI
; APPLICANT: NAKAMATSU, TSUYOSHI
; TITLE OF INVENTION: BACTERIUM PRODUCING L-GLUTAMIC ACID AND METHOD FOR
PRODUCING L-GLUTAMIC
; TITLE OF INVENTION: ACID
; FILE REFERENCE: 210213US0
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/895,382
; CURRENT FILING DATE: 2001-07-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: JP 2000-204256
; PRIOR FILING DATE: 2000-07-05

   Query Match   77.3%; Score 2326.6; DB 10; Length 2369;
   Best Local Similarity 99.7%; Pred. No. 0;
   Matches 2363; Conservative   0; Mismatches   4; Indels   4; Gaps   3;

```
Qy      400 CAGAATCAGCGCCGGCAGAGAAAACGTCCAAAGACTAATCAGAGATTCGGTAATAAAAGG 459
            ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||   |||||
Db        2 CAGAATCAGCGCCGGCAGAG-AAACGTCCAAAGACTAATCAGAGATTCGGTAT--AAAGG 58

Qy      460 TAAAAATCAACCTGCTTAGGCGTCTTTCGCTTAAATAGCGTAGAATATCGGGTCGATCGC 519
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       59 TAAAAATCAACCTGCTTAGGCGTCTTTCGCTTAAATAGCGTAGAATATCGGGTCGATCGC 118

Qy      520 TTTTAAACACTCAGGAGGATCCTTGCCGGCCAAAATCACGGACACTCGTCCCACCCCAGA 579
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      119 TTTTAAACACTCAGGAGGATCCTTGCCGGCCAAAATCACGGACACTCGTCCCACCCCAGA 178

Qy      580 ATCCCTTCACGCTGTTGAAGAGGAAACCGCAGCCGGTGCCCGCAGGATTGTTGCCACCTA 639
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      179 ATCCCTTCACGCTGTTGAAGAGGAAACCGCAGCCGGTGCCCGCAGGATTGTTGCCACCTA 238

Qy      640 TTCTAAGGACTTCTTCGACGGCGTCACTTTGATGTGCATGCTCGGCGTTGAACCTCAGGG 699
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      239 TTCTAAGGACTTCTTCGACGGCGTCACTTTGATGTGCATGCTCGGCGTTGAACCTCAGGG 298

Qy      700 CCTGCGTTACACCAAGGTCGCTTCTGAACACGAGGAAGCTCAGCCAAAGAAGGCTACAAA 759
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      299 CCTGCGTTACACCAAGGTCGCTTCTGAACACGAGGAAGCTCAGCCAAAGAAGGCTACAAA 358

Qy      760 GCGGACTCGTAAGGC-ACCAGCTAAGAAGGCTGCTGCTAAGAAAACGACCAAGAAGACCA 818
            ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      359 GCGGACTCGTAAGGCTACCAGCTAAGAAGGCTGCTGCTAAGAAAACGACCAAGAAGACCA 418

Qy      819 CTAAGAAAACTACTAAAAAGACCACCGCAAAGAAGACCACAAAGAAGTCTTAAGCCGGAT 878
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      419 CTAAGAAAACTACTAAAAAGACCACCGCAAAGAAGACCACAAAGAAGTCTTAAGCCGGAT 478

Qy      879 CTTATATGGATGATTCCAATAGCTTTGTAGTTGTTGCTAACCGTCTGCCAGTGGATATGA 938
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      479 CTTATATGGATGATTCCAATAGCTTTGTAGTTGTTGCTAACCGTCTGCCAGTGGATATGA 538

Qy      939 CTGTCCACCCAGATGGTAGCTATAGCATCTCCCCCAGCCCCGGTGGCCTTGTCACGGGGC 998
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      539 CTGTCCACCCAGATGGTAGCTATAGCATCTCCCCCAGCCCCGGTGGCCTTGTCACGGGGC 598

Qy      999 TTTCCCCCGTTCTGGAACAACATCGTGGATGTTGGGTCGGATGGCCTGGAACTGTAGATG 1058
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      599 TTTCCCCCGTTCTGGAACAACATCGTGGATGTTGGGTCGGATGGCCTGGAACTGTAGATG 658

Qy     1059 TTGCACCCGAACCATTTCGAACAGATACGGGTGTTTTGCTGCACCCTGTTGTCCTCACTG 1118
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      659 TTGCACCCGAACCATTTCGAACAGATACGGGTGTTTTGCTGCACCCTGTTGTCCTCACTG 718

Qy     1119 CAAGTGACTATGAAGGCTTCTACGAGGGCTTTTCAAACGCAACGCTGTGGCCTCTTTTCC 1178
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      719 CAAGTGACTATGAAGGCTTCTACGAGGGCTTTTCAAACGCAACGCTGTGGCCTCTTTTCC 778
```

```
Qy   1179 ACGATCTGATTGTTACTCCGGTGTACAACACCGATTGGTGGCATGCGTTTCGGGAGGTAA 1238
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db    779 ACGATCTGATTGTTACTCCGGTGTACAACACCGATTGGTGGCATGCGTTTCGGGAAGTAA 838

Qy   1239 ACCTCAAGTTCGCTGAAGCCGTGAGCCAAGTGGCGGCACACGGTGCCACTGTGTGGGTGC 1298
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    839 ACCTCAAGTTCGCTGAAGCCGTGAGCCAAGTGGCGGCACACGGTGCCACTGTGTGGGTGC 898

Qy   1299 AGGACTATCAGCTGTTGCTGGTTCCTGGCATTTTGCGCCAGATGCGCCCTGATTTGAAGA 1358
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db    899 AGGACTATCAGCTGTTGCTGGTTCCTGGCATTTTGCGCCAGATGCGCCTTGATTTGAAGA 958

Qy   1359 TCGGTTTCTTCCTCCACATTCCCTTCCCTTCCCCTGATCTGTTCCGTCAGCTGCCGTGGC 1418
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    959 TCGGTTTCTTCCTCCACATTCCCTTCCCTTCCCCTGATCTGTTCCGTCAGCTGCCGTGGC 1018

Qy   1419 GTGAAGAGATTGTTCGAGGCATGCTGGGCGCAGATTTGGTGGGATTCCATTTGGTTCAAA 1478
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1019 GTGAAGAGATTGTTCGAGGCATGCTGGGCGCAGATTTGGTGGGATTCCATTTGGTTCAAA 1078

Qy   1479 ACGCAGAAAACTTCCTTGCGTTAACCCAGCAGGTTGCCGGCACTGCCGGGTCTCATGTGG 1538
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1079 ACGCAGAAAACTTCCTTGCGTTAACCCAGCAGGTTGCCGGCACTGCCGGGTCTCATGTGG 1138

Qy   1539 GTCAGCCGGACACCTTGCAGGTCAGTGGTGAAGCATTGGTGCGTGAGATTGGCGCTCATG 1598
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1139 GTCAGCCGGACACCTTGCAGGTCAGTGGTGAAGCATTGGTGCGTGAGATTGGCGCTCATG 1198

Qy   1599 TTGAAACCGCTGACGGAAGGCGAGTTAGCGTCGGGGCGTTCCCGATCTCGATTGATGTTG 1658
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1199 TTGAAACCGCTGACGGAAGGCGAGTTAGCGTCGGGGCGTTCCCGATCTCGATTGATGTTG 1258

Qy   1659 AAATGTTTGGGGAGGCGTCGAAAAGCGCCGTTCTTGATCTTTTAAAAACGCTCGACGAGC 1718
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1259 AAATGTTTGGGGAGGCGTCGAAAAGCGCCGTTCTTGATCTTTTAAAAACGCTCGACGAGC 1318

Qy   1719 CGGAAACCGTATTCCTGGGCGTTGACCGACTGGACTACACCAAGGGCATTTTGCAGCGCC 1778
          ||!|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1319 CGGAAACCGTATTCCTGGGCGTTGACCGACTGGACTACACCAAGGGCATTTTGCAGCGCC 1378

Qy   1779 TGCTTGCGTTTGAGGAACTGCTGGAATCCGGCGCGTTGGAGGCCGACAAAGCTGTGTTGC 1838
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1379 TGCTTGCGTTTGAGGAACTGCTGGAATCCGGCGCGTTGGAGGCCGACAAAGCTGTGTTGC 1438

Qy   1839 TGCAGGTCGCGACGCCTTCGCGTGAGCGCATTGATCACTATCGTGTGTCGCGTTCGCAGG 1898
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1439 TGCAGGTCGCGACGCCTTCGCGTGAGCGCATTGATCACTATCGTGTGTCGCGTTCGCAGG 1498

Qy   1899 TCGAGGAAGCCGTCGGCCGTATCAATGGTCGTTTCGGTCGCATGGGGCGTCCCGTGGTGC 1958
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1499 TCGAGGAAGCCGTCGGCCGTATCAATGGTCGTTTCGGTCGCATGGGGCGTCCCGTGGTGC 1558

Qy   1959 ATTATCTACACAGGTCATTGAGCAAAAATGATCTCCAGGTGCTGTATACCGCAGCCGATG 2018
          ||!|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db   1559 ATTATCTACACAGGTCATTGAGCAAAAATGATCTCCAGGTGCTGTATACCGCAGCCGATG 1618

Qy   2019 TCATGCTGGTTACGCCTTTTAAAGACGGTATGAACTTGGTGGCTAAAGAATTCGTGGCCA 2078
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1619 TCATGCTGGTTACGCCTTTTAAAGACGGTATGAACTTGGTGGCTAAAGAATTCGTGGCCA 1678

Qy   2079 ACCACCGCGACGGCACTGGTGCTTTGGTGCTGTCCGAATTTGCCGGCGCGGCCACTGAGC 2138
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1679 ACCACCGCGACGGCACTGGTGCTTTGGTGCTGTCCGAATTTGCCGGCGCGGCCACTGAGC 1738

Qy   2139 TGACCGGTGCGTATTTATGCAACCCATTTGATGTGGAATCCATCAAACGGCAAATGGTGG 2198
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1739 TGACCGGTGCGTATTTATGCAACCCATTTGATGTGGAATCCATCAAACGGCAAATGGTGG 1798

Qy   2199 CAGCTGTCCATGATTTGAAGCACAATCCGGAATCTGCGGCAACGCGAATGAAAACGAACA 2258
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db   1799 CAGCTGTCCATGATTTGAAGCACAATCCGGAATCTGCGGCAACGCGAATGAAAACGAACA 1858

Qy   2259 GCGAGCAGGTCTATACCCACGACGTCAACGTGTGGGCTAATAGTTTCCTGGATTGTTTGG 2318
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1859 GCGAGCAGGTCTATACCCACGACGTCAACGTGTGGGCTAATAGTTTCCTGGATTGTTTGG 1918

Qy   2319 CACAGTCGGGAGAAAACTCATGAACCGCGCACGAATCGCGACCATAGGCGTTCTTCCGCT 2378
          |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1919 CGCAGTCGGGAGAAAACTCATGAACCGCGCACGAATCGCGACCATAGGCGTTCTTCCGCT 1978
```

```
Qy    2379 TGCTTTACTGCTGGCGTCCTGTGGTTCAGACACCGTGGAAATGACAGATTCCACCTGGTT 2438
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1979 TGCTTTACTGCTGGCGTCCTGTGGTTCAGACACCGTGGAAATGACAGATTCCACCTGGTT 2038

Qy    2439 GGTGACCAATATTTACACCGATCCAGATGAGTCGAATTCGATCAGTAATCTTGTCATTTC 2498
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2039 GGTGACCAATATTTACACCGATCCAGATGAGTCGAATTCGATCAGTAATCTTGTCATTTC 2098

Qy    2499 CCAGCCCAGCTTAGATTTTGGCAATTCTTCCCTGTCTGGTTTCACTGGCTGTGTGCCTTT 2558
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2099 CCAGCCCAGCTTAGATTTTGGCAATTCTTCCCTGTCTGGTTTCACTGGCTGTGTGCCTTT 2158

Qy    2559 TACGGGGCGTGCGGAATTCTTCCAAAATGGTGAGCAAAGCTCTGTTCTGGATGCCGATTA 2618
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2159 TACGGGGCGTGCGGAATTCTTCCAAAATGGTGAGCAAAGCTCTGTTCTGGATGCCGATTA 2218

Qy    2619 TGTGACCTTGTCTTCCCTGGATTTCGATAAACTTCCCGATGATTGCCAAGGACAAGAACT 2678
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2219 TGTGACCTTGTCTTCCCTGGATTTCGATAAACTTCCCGATGATTGCCAAGGACAAGAACT 2278

Qy    2679 CAAAGTTCATAACGAGCTGGTTGATCTTCTGCCTGGTTCTTTTGAAATCTCCAGGACTTC 2738
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2279 CAAAGTTCATAACGAGCTGGTTGATCTTCTGCCTGGTTCTTTTGAAATCTCCAGGACTTC 2338

Qy    2739 TGGTTCAGAAATCTTGCTGACTAGCGATGTC 2769
           |||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2339 TGGTTCAGAAATCTTGCTGACTAGCGATGTC 2369
```

```
; Sequence 1, Application US/09431099
; Patent No. 6410705
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT:  Degussa-HOls AG
;  APPLICANT:  Forschungszentrum-JOlich GmbH
;  TITLE OF INVENTION:  New nucleotide sequences coding for the thrE gene and
process for the
;  TITLE OF INVENTION:  enzymatic production of L-threonine with coryneform
bacteria.

   Query Match              46.7%;   Score 1405.6;   DB 4;   Length 2817;
   Best Local Similarity    99.7%;   Pred. No. 0;
   Matches 1408;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;


Qy          1 ATTGCGGGGCTTACTGCGCTGATGGGTTCTGCGTTTTATTACCTCTTCGTTGTTTATTTA 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1406 ATTGCGGGGCTTACTGCGCTGATGGGTTCTGCGTTTTATTACCTCTTCGTTGTTTATTTA 1465

Qy         61 GGCCCCGTCTCTGCCGCTGCGATTGCTGCAACAGCAGTTGGTTTCACTGGTGGTTTGCTT 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1466 GGCCCCGTCTCTGCCGCTGCGATTGCTGCAACAGCAGTTGGTTTCACTGGTGGTTTGCTT 1525

Qy        121 GCCCGTCGATTCTTGATTCCACCGTTGATTGTGGCGATTGCCGGCATCACACCAATGCTT 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1526 GCCCGTCGATTCTTGATTCCACCGTTGATTGTGGCGATTGCCGGCATCACACCAATGCTT 1585

Qy        181 CCAGGTCTAGCAATTTACCGCGGAATGTACGCCACCCTGAATGATCAAACACTCATGGGT 240
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db       1586 CCAGGTCTAGCAATTTACCGCGGAATGTACGCCACCTTGAATGATCAAACACTCATGGGT 1645

Qy        241 TTCACCAACATTGCGGTTGCTTTAGCCACTGCTTCATCACTTGCCGCTGGCGTGGTTTTG 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1646 TTCACCAACATTGCGGTTGCTTTAGCCACTGCTTCATCACTTGCCGCTGGCGTGGTTTTG 1705

Qy        301 GGTGAGTGGATTGCCCGCAGGCTACGTCGTCCACCACGCTTCAACCCATACCGTGCATTT 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1706 GGTGAGTGGATTGCCCGCAGGCTACGTCGTCCACCACGCTTCAACCCATACCGTGCATTT 1765

Qy        361 ACCAAGGCGAATGAGTTCTCCTTCCAGGAGGAAGCTGAGCAGAATCAGCGCCGGCAGAGA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1766 ACCAAGGCGAATGAGTTCTCCTTCCAGGAGGAAGCTGAGCAGAATCAGCGCCGGCAGAGA 1825

Qy        421 AAACGTCCAAAGACTAATCAGAGATTCGGTAATAAAAGGTAAAAATCAACCTGCTTAGGC 480
              |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1826 AAACGTCCAAAGACTAATCAAAGATTCGGTAATAAAAGGTAAAAATCAACCTGCTTAGGC 1885

Qy        481 GTCTTTCGCTTAAATAGCGTAGAATATCGGGTCGATCGCTTTTAAACACTCAGGAGGATC 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1886 GTCTTTCGCTTAAATAGCGTAGAATATCGGGTCGATCGCTTTTAAACACTCAGGAGGATC 1945

Qy        541 CTTGCCGGCCAAAATCACGGACACTCGTCCCACCCCAGAATCCCTTCACGCTGTTGAAGA 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1946 CTTGCCGGCCAAAATCACGGACACTCGTCCCACCCCAGAATCCCTTCACGCTGTTGAAGA 2005

Qy        601 GGAAACCGCAGCCGGTGCCCGCAGGATTGTTGCCACCTATTCTAAGGACTTCTTCGACGG 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2006 GGAAACCGCAGCCGGTGCCCGCAGGATTGTTGCCACCTATTCTAAGGACTTCTTCGACGG 2065
```

```
Qy     661 CGTCACTTTGATGTGCATGCTCGGCGTTGAACCTCAGGGCCTGCGTTACACCAAGGTCGC 720
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2066 CGTCACTTTGATGTGCATGCTCGGCGTTGAACCTCAGGGCCTGCGTTACACCAAGGTCGC 2125

Qy     721 TTCTGAACACGAGGAAGCTCAGCCAAAGAAGGCTACAAAGCGGACTCGTAAGGCACCAGC 780
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2126 TTCTGAACACGAGGAAGCTCAGCCAAAGAAGGCTACAAAGCGGACTCGTAAGGCACCAGC 2185

Qy     781 TAAGAAGGCTGCTGCTAAGAAAACGACCAAGAAGACCACTAAGAAAACTACTAAAAAGAC 840
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2186 TAAGAAGGCTGCTGCTAAGAAAACGACCAAGAAGACCACTAAGAAAACTACTAAAAAGAC 2245

Qy     841 CACCGCAAAGAAGACCACAAAGAAGTCTTAAGCCGGATCTTATATGGATGATTCCAATAG 900
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2246 CACCGCAAAGAAGACCACAAAGAAGTCTTAAGCCGGATCTTATATGGATGATTCCAATAG 2305

Qy     901 CTTTGTAGTTGTTGCTAACCGTCTGCCAGTGGATATGACTGTCCACCCAGATGGTAGCTA 960
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2306 CTTTGTAGTTGTTGCTAACCGTCTGCCAGTGGATATGACTGTCCACCCAGATGGTAGCTA 2365

Qy     961 TAGCATCTCCCCCAGCCCCGGTGGCCTTGTCACGGGGCTTTCCCCCGTTCTGGAACAACA 1020
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2366 TAGCATCTCCCCCAGCCCCGGTGGCCTTGTCACGGGGCTTTCCCCCGTTCTGGAACAACA 2425

Qy    1021 TCGTGGATGTTGGGTCGGATGGCCTGGAACTGTAGATGTTGCACCCGAACCATTTCGAAC 1080
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2426 TCGTGGATGTTGGGTCGGATGGCCTGGAACTGTAGATGTTGCACCCGAACCATTTCGAAC 2485

Qy    1081 AGATACGGGTGTTTTGCTGCACCCTGTTGTCCTCACTGCAAGTGACTATGAAGGCTTCTA 1140
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2486 AGATACGGGTGTTTTGCTGCACCCTGTTGTCCTCACTGCAAGTGACTATGAAGGCTTCTA 2545

Qy    1141 CGAGGGCTTTTCAAACGCAACGCTGTGGCCTCTTTTCCACGATCTGATTGTTACTCCGGT 1200
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db    2546 CGAGGGCTTTTCAAACGCAACGCTGTGGCCTCTTTTCCACGATTTGATTGTTACTCCGGT 2605

Qy    1201 GTACAACACCGATTGGTGGCATGCGTTTCGGGAGGTAAACCTCAAGTTCGCTGAAGCCGT 1260
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Db    2606 GTACAACACCGATTGGTGGCATGCGTTTCGGGAAGTAAACCTCAAGTTCGCTGAAGCCGT 2665

Qy    1261 GAGCCAAGTGGCGGCACACGGTGCCACTGTGTGGGTGCAGGACTATCAGCTGTTGCTGGT 1320
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2666 GAGCCAAGTGGCGGCACACGGTGCCACTGTGTGGGTGCAGGACTATCAGCTGTTGCTGGT 2725

Qy    1321 TCCTGGCATTTTGCGCCAGATGCGCCCTGATTTGAAGATCGGTTTCTTCCTCCACATTCC 1380
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2726 TCCTGGCATTTTGCGCCAGATGCGCCCTGATTTGAAGATCGGTTTCTTCCTCCACATTCC 2785

Qy    1381 CTTCCCTTCCCCTGATCTGTTCCGTCAGCTGC 1412
           ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2786 CTTCCCTTCCCCTGATCTGTTCCGTCAGCTGC 2817
```

AX063735
LOCUS   AX063735   1578 bp   DNA   linear   PAT 24-JAN-2001
DEFINITION   Sequence 17 from Patent WO0100843.
ACCESSION   AX063735
VERSION   AX063735.1 GI:12541447
SOURCE   Corynebacterium glutamicum
    ORGANISM Corynebacterium glutamicum
              Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales;
              Corynebacterineae; Corynebacteriaceae; Corynebacterium.
    AUTHORS   Pompejus,M., Kroeger,B., Schroeder,H., Zelder,O. and Haberhauer,G.
    TITLE   corynebacterium glutamicum genes encoding metabolic pathway
              proteins
    JOURNAL   Patent: WO 0100843-A 17 04-JAN-2001;

    Query Match   52.4%; Score 1578; DB 6; Length 1578;
    Best Local Similarity   100.0%; Pred. No. 0;
    Matches 1578; Conservative   0; Mismatches   0; Indels   0; Gaps   0;

Qy   784 GAAGGCTGCTGCTAAGAAAACGACCAAGAAGACCACTAAGAAAACTACTAAAAAGACCAC 843
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1 GAAGGCTGCTGCTAAGAAAACGACCAAGAAGACCACTAAGAAAACTACTAAAAAGACCAC 60

Qy   844 CGCAAAGAAGACCACAAAGAAGTCTTAAGCCGGATCTTATATGGATGATTCCAATAGCTT 903
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||·||||||||||||||||||||||||
Db   61 CGCAAAGAAGACCACAAAGAAGTCTTAAGCCGGATCTTATATGGATGATTCCAATAGCTT 120

Qy   904 TGTAGTTGTTGCTAACCGTCTGCCAGTGGATATGACTGTCCACCCAGATGGTAGCTATAG 963
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   121 TGTAGTTGTTGCTAACCGTCTGCCAGTGGATATGACTGTCCACCCAGATGGTAGCTATAG 180

Qy   964 CATCTCCCCCAGCCCCGGTGGCCTTGTCACGGGGCTTTCCCCCGTTCTGGAACAACATCG 1023
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   181 CATCTCCCCCAGCCCCGGTGGCCTTGTCACGGGGCTTTCCCCCGTTCTGGAACAACATCG 240

Qy   1024 TGGATGTTGGGTCGGATGGCCTGGAACTGTAGATGTTGCACCCGAACCATTTCGAACAGA 1083
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   241 TGGATGTTGGGTCGGATGGCCTGGAACTGTAGATGTTGCACCCGAACCATTTCGAACAGA 300

Qy   1084 TACGGGTGTTTTGCTGCACCCTGTTGTCCTCACTGCAAGTGACTATGAAGGCTTCTACGA 1143
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   301 TACGGGTGTTTTGCTGCACCCTGTTGTCCTCACTGCAAGTGACTATGAAGGCTTCTACGA 360

Qy   1144 GGGCTTTTCAAACGCAACGCTGTGGCCTCTTTTCCACGATCTGATTGTTACTCCGGTGTA 1203
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   361 GGGCTTTTCAAACGCAACGCTGTGGCCTCTTTTCCACGATCTGATTGTTACTCCGGTGTA 420

Qy   1204 CAACACCGATTGGTGGCATGCGTTTCGGGAGGTAAACCTCAAGTTCGCTGAAGCCGTGAG 1263
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   421 CAACACCGATTGGTGGCATGCGTTTCGGGAGGTAAACCTCAAGTTCGCTGAAGCCGTGAG 480

Qy   1264 CCAAGTGGCGGCACACGGTGCCACTGTGTGGGTGCAGGACTATCAGCTGTTGCTGGTTCC 1323
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   481 CCAAGTGGCGGCACACGGTGCCACTGTGTGGGTGCAGGACTATCAGCTGTTGCTGGTTCC 540

Qy   1324 TGGCATTTTGCGCCAGATGCGCCCTGATTTGAAGATCGGTTTCTTCCTCCACATTCCCTT 1383
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   541 TGGCATTTTGCGCCAGATGCGCCCTGATTTGAAGATCGGTTTCTTCCTCCACATTCCCTT 600

```
Qy    1384 CCCTTCCCCTGATCTGTTCCGTCAGCTGCCGTGGCGTGAAGAGATTGTTCGAGGCATGCT 1443
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 CCCTTCCCCTGATCTGTTCCGTCAGCTGCCGTGGCGTGAAGAGATTGTTCGAGGCATGCT 660

Qy    1444 GGGCGCAGATTTGGTGGGATTCCATTTGGTTCAAAACGCAGAAAACTTCCTTGCGTTAAC 1503
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 GGGCGCAGATTTGGTGGGATTCCATTTGGTTCAAAACGCAGAAAACTTCCTTGCGTTAAC 720

Qy    1504 CCAGCAGGTTGCCGGCACTGCCGGGTCTCATGTGGGTCAGCCGGACACCTTGCAGGTCAG 1563
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 CCAGCAGGTTGCCGGCACTGCCGGGTCTCATGTGGGTCAGCCGGACACCTTGCAGGTCAG 780

Qy    1564 TGGTGAAGCATTGGTGCGTGAGATTGGCGCTCATGTTGAAACCGCTGACGGAAGGCGAGT 1623
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 TGGTGAAGCATTGGTGCGTGAGATTGGCGCTCATGTTGAAACCGCTGACGGAAGGCGAGT 840

Qy    1624 TAGCGTCGGGGCGTTCCCGATCTCGATTGATGTTGAAATGTTTGGGGAGGCGTCGAAAAG 1683
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 TAGCGTCGGGGCGTTCCCGATCTCGATTGATGTTGAAATGTTTGGGGAGGCGTCGAAAAG 900

Qy    1684 CGCCGTTCTTGATCTTTTAAAAACGCTCGACGAGCCGGAAACCGTATTCCTGGGCGTTGA 1743
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 CGCCGTTCTTGATCTTTTAAAAACGCTCGACGAGCCGGAAACCGTATTCCTGGGCGTTGA 960

Qy    1744 CCGACTGGACTACACCAAGGGCATTTTGCAGCGCCTGCTTGCGTTTGAGGAACTGCTGGA 1803
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 CCGACTGGACTACACCAAGGGCATTTTGCAGCGCCTGCTTGCGTTTGAGGAACTGCTGGA 1020

Qy    1804 ATCCGGCGCGTTGGAGGCCGACAAAGCTGTGTTGCTGCAGGTCGCGACGCCTTCGCGTGA 1863
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 ATCCGGCGCGTTGGAGGCCGACAAAGCTGTGTTGCTGCAGGTCGCGACGCCTTCGCGTGA 1080

Qy    1864 GCGCATTGATCACTATCGTGTGTCGCGTTCGCAGGTCGAGGAAGCCGTCGGCCGTATCAA 1923
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GCGCATTGATCACTATCGTGTGTCGCGTTCGCAGGTCGAGGAAGCCGTCGGCCGTATCAA 1140

Qy    1924 TGGTCGTTTCGGTCGCATGGGGCGTCCCGTGGTGCATTATCTACACAGGTCATTGAGCAA 1983
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 TGGTCGTTTCGGTCGCATGGGGCGTCCCGTGGTGCATTATCTACACAGGTCATTGAGCAA 1200

Qy    1984 AAATGATCTCCAGGTGCTGTATACCGCAGCCGATGTCATGCTGGTTACGCCTTTTAAAGA 2043
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 AAATGATCTCCAGGTGCTGTATACCGCAGCCGATGTCATGCTGGTTACGCCTTTTAAAGA 1260

Qy    2044 CGGTATGAACTTGGTGGCTAAAGAATTCGTGGCCAACCACCGCGACGGCACTGGTGCTTT 2103
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 CGGTATGAACTTGGTGGCTAAAGAATTCGTGGCCAACCACCGCGACGGCACTGGTGCTTT 1320

Qy    2104 GGTGCTGTCCGAATTTGCCGGCGCGGCCACTGAGCTGACCGGTGCGTATTTATGCAACCC 2163
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 GGTGCTGTCCGAATTTGCCGGCGCGGCCACTGAGCTGACCGGTGCGTATTTATGCAACCC 1380

Qy    2164 ATTTGATGTGGAATCCATCAAACGGCAAATGGTGGCAGCTGTCCATGATTTGAAGCACAA 2223
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 ATTTGATGTGGAATCCATCAAACGGCAAATGGTGGCAGCTGTCCATGATTTGAAGCACAA 1440
```

```
Qy    2224  TCCGGAATCTGCGGCAACGCGAATGAAAACGAACAGCGAGCAGGTCTATACCCACGACGT  2283
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441  TCCGGAATCTGCGGCAACGCGAATGAAAACGAACAGCGAGCAGGTCTATACCCACGACGT  1500

Qy    2284  CAACGTGTGGGCTAATAGTTTCCTGGATTGTTTGGCACAGTCGGGAGAAAACTCATGAAC  2343
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501  CAACGTGTGGGCTAATAGTTTCCTGGATTGTTTGGCACAGTCGGGAGAAAACTCATGAAC  1560

Qy    2344  CGCGCACGAATCGCGACC  2361
            ||||||||||||||||||
Db    1561  CGCGCACGAATCGCGACC  1578
```